

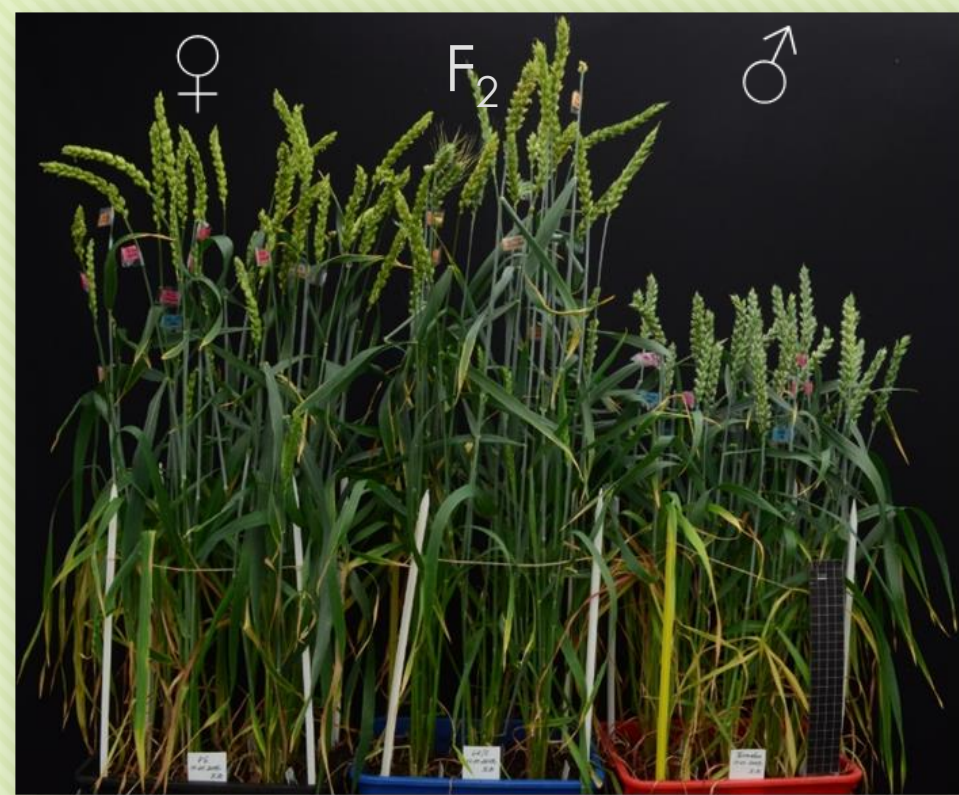


Identyfikacja zmienności genetycznej pszenicy korelującej z potencjałem plonotwórczym i wybranymi cechami systemu korzeniowego

K. Barchacka, A. Nadolska-Orczyk

Zakład Genomiki Funkcjonalnej Instytut Hodowli

i Aklimatyzacji Roślin – Państwowy Instytut Badawczy, Radzików, 05-870 Błonie. Email: k.barchacka@ihar.edu.pl



Opis zadania

Celem tegorocznego tematu badawczego była kontynuacja oceny dziedziczenia znaczników genetyczno/biochemiczno/fizjologicznych produktywności i masy korzenia w przekazanych przez hodowców genotypach/materiałach hodowlanych i poszerzenie puli charakteryzowanych genotypów. Cel realizowano za pomocą 4 zadań (Rys. 1).

- 1 Wykonanie 4 dalszych krzyżowań linii zróżnicowanych pod kątem znaczników i cech plonotwórczych.
- 2 Ocena poziomu ekspresji względnej genów *TaCKX1*, *TaCKX6* oraz *TaNAC2-5A* w korzeniach siewek.
- 3 Ocena poziomu ekspresji względnej genów *TaCKX1*, *TaCKX2.1*, *TaCKX2.2* oraz *TaNAC2-5A* w dojrzewających kłosach wytypowanych genotypów.
- 4 Ocena najważniejszych cech fenotypowych jak masa korzenia siewek i produktywność oraz innych ważnych cech.

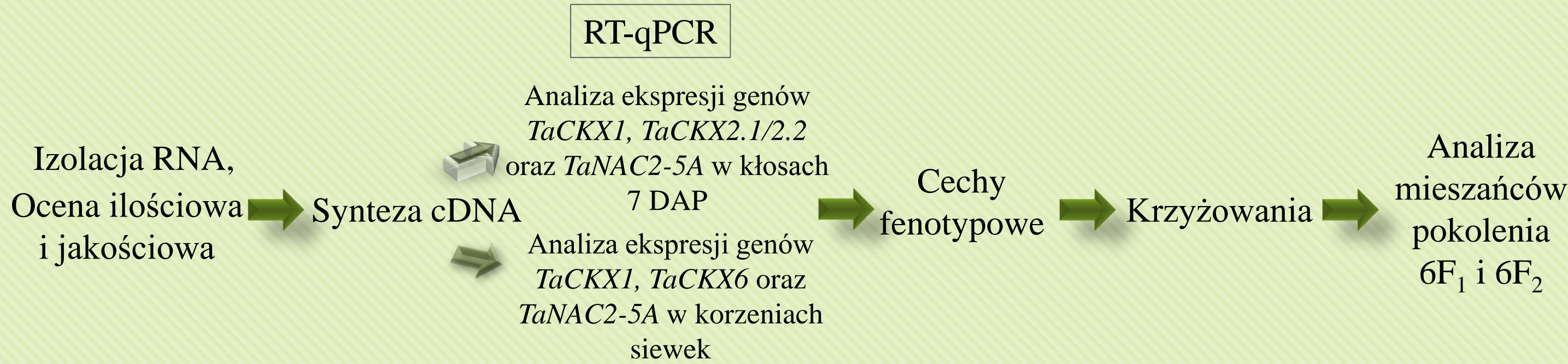
Rys. 1. Zadania zrealizowane w tegorocznym temacie badawczym.

Wyniki

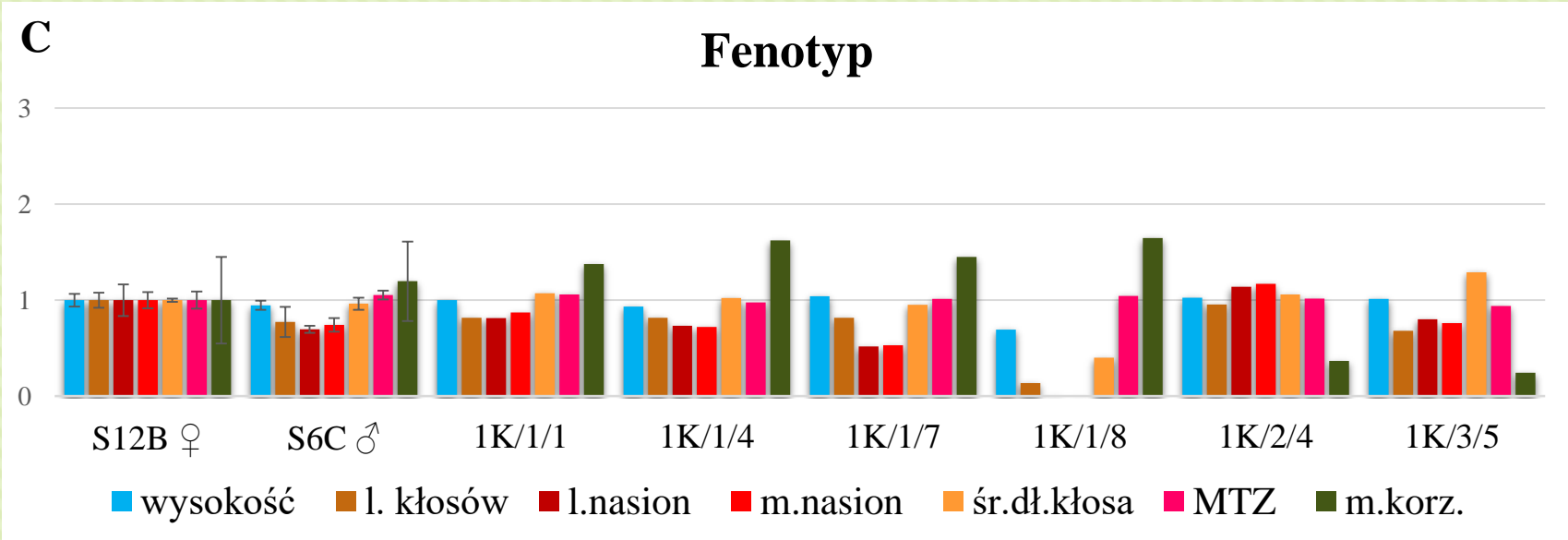
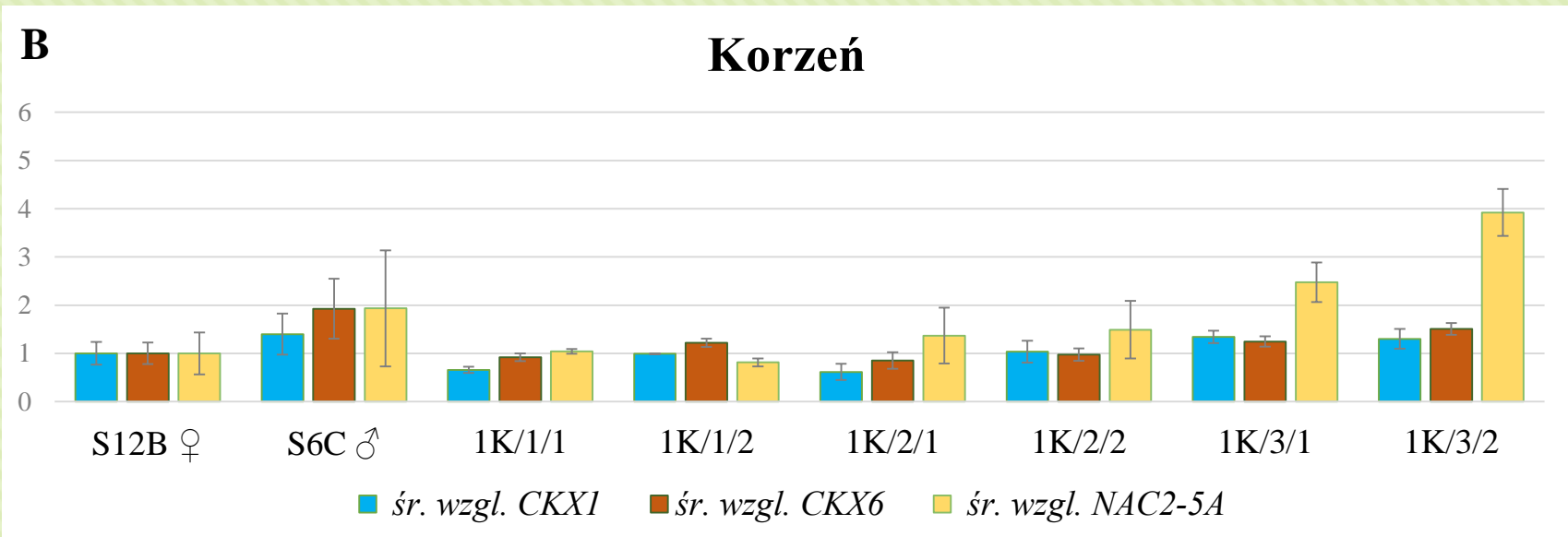
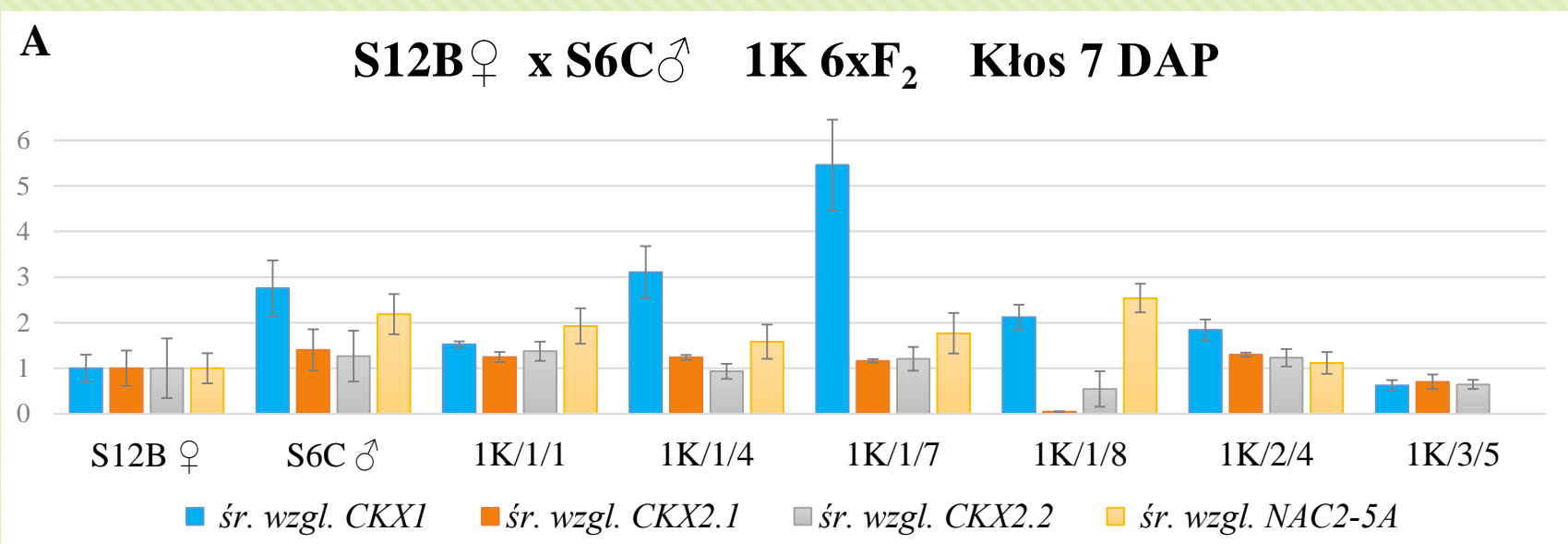
Wyniki przedstawiono na rysunkach 3 – 8 A, B, C. Każdy z nich prezentuje kolejno otrzymane dane dla linii **matecznej** i **ojcowskiej** oraz sześciu wybranych segregujących w F₂ roślin. Na rysunkach A przedstawiono poziom ekspresji czterech genów: *TaCKX1*, *TaCKX2.1*, *TaCKX2.2* oraz *TaNAC2-5A* w kłosie 7 DAP (A); na rysunkach B poziom ekspresji trzech genów: *TaCKX1*, *TaCKX6* oraz *TaNAC2-5A* w korzeniach siewek (B) a na rysunkach (C) wartości względne cech fenotypowych. Dla łatwiejszego porównania wartości ekspresji i cech fenotypowych, dane dla **linii matecznej** sprowadzono do wartości względnej 1.00. Segregujące pojedynki przekraczają wartości rodzicielskie w górę lub w dół. Można zaobserwować, że wyższa ekspresja badanych genów w kłosie 7 DAP jest zwykle związana z niższymi wartościami cech plonotwórczych.

Materiały i metody

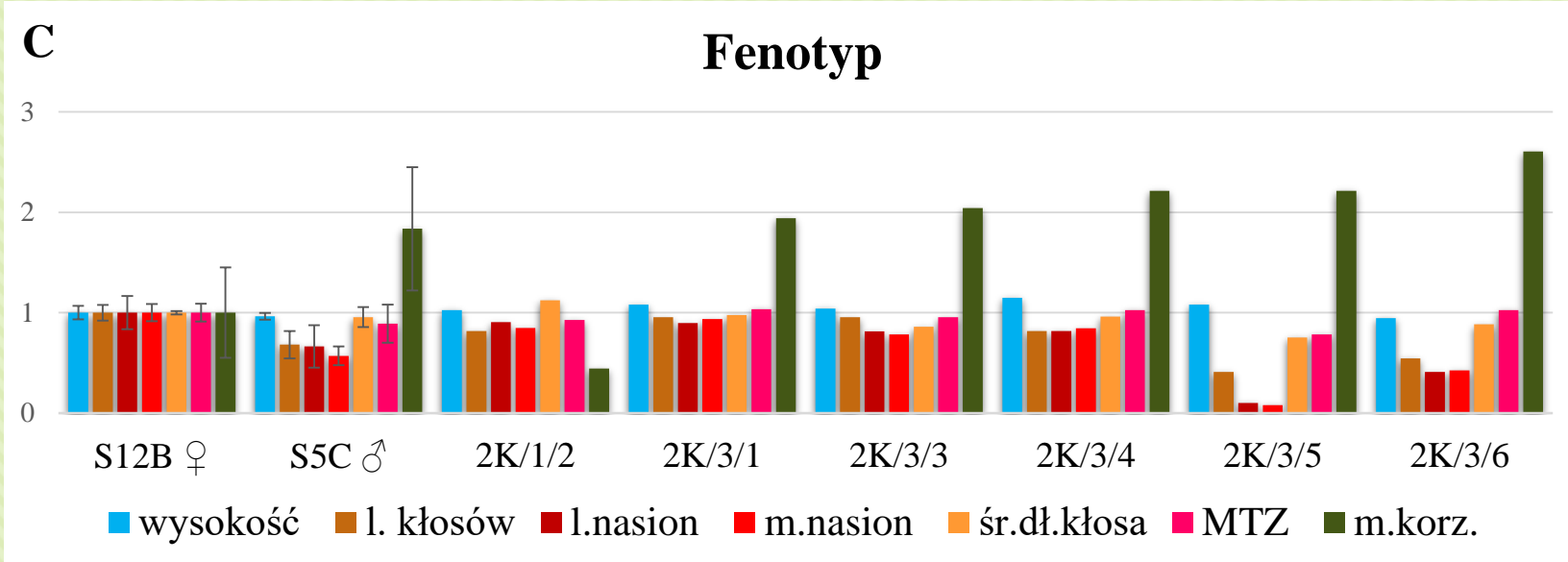
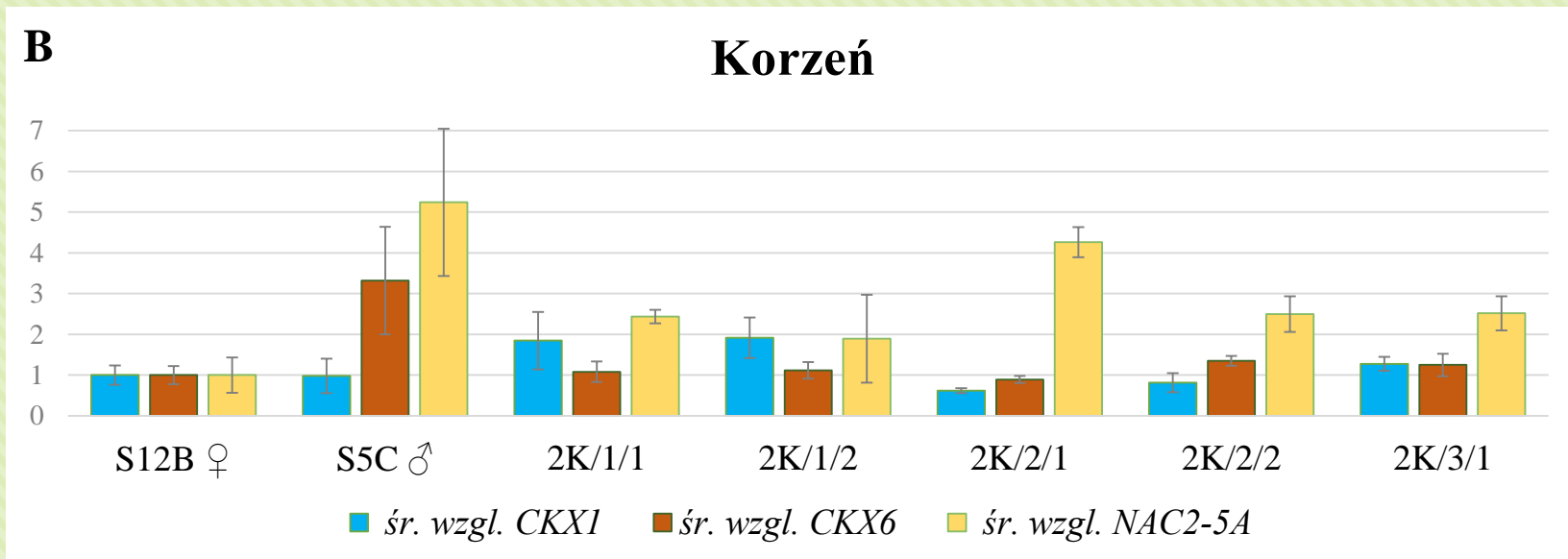
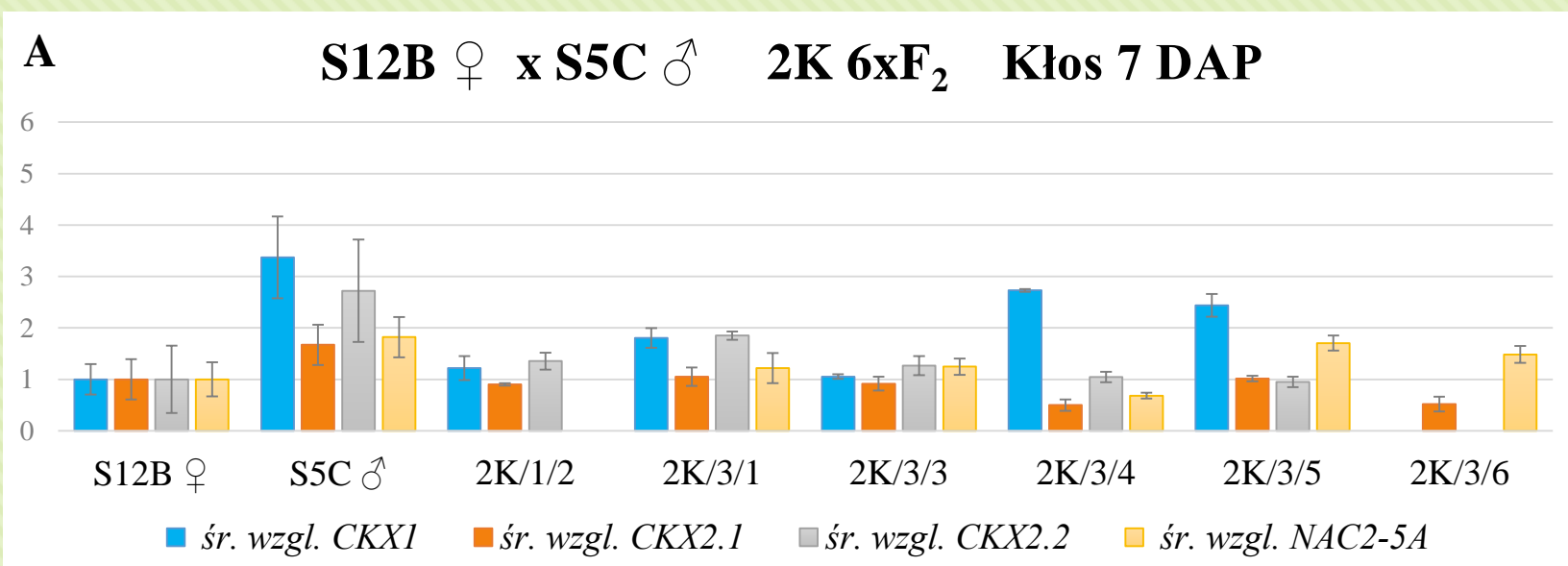
W roku 2019 do badań został wytypowany kolejny zestaw 10 genotypów o zróżnicowanej produktywności i innych cechach hodowlanych. Był on wybrany z dotychczas wstępnie przebadanych przez nas materiałów hodowlanych. Wykonano dalsze cztery krzyżowania i otrzymano mieszańce pokolenia F₁. Z nasion roślin mieszańcowych F₁ sześciu krzyżówek wyprowadzono rośliny pokolenia F₂ i wraz z wybranymi genotypami poddano analizom (ekspresja genów, charakterystyka fenotypowa), zgodnie ze schematem (Rys. 2).



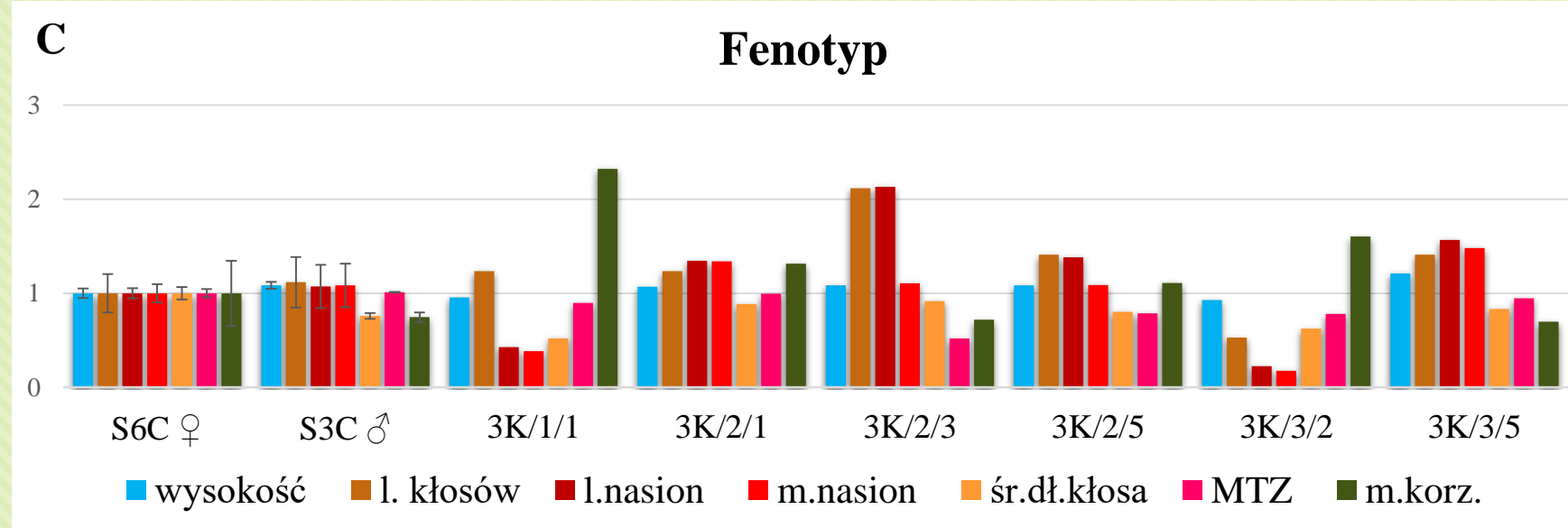
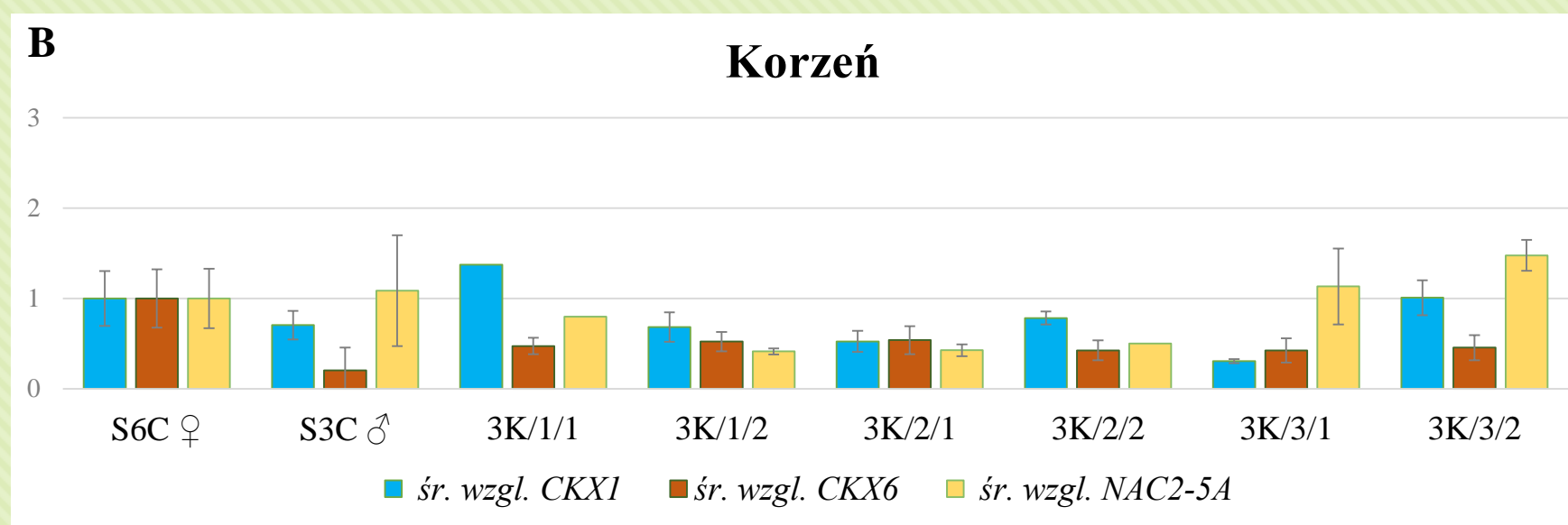
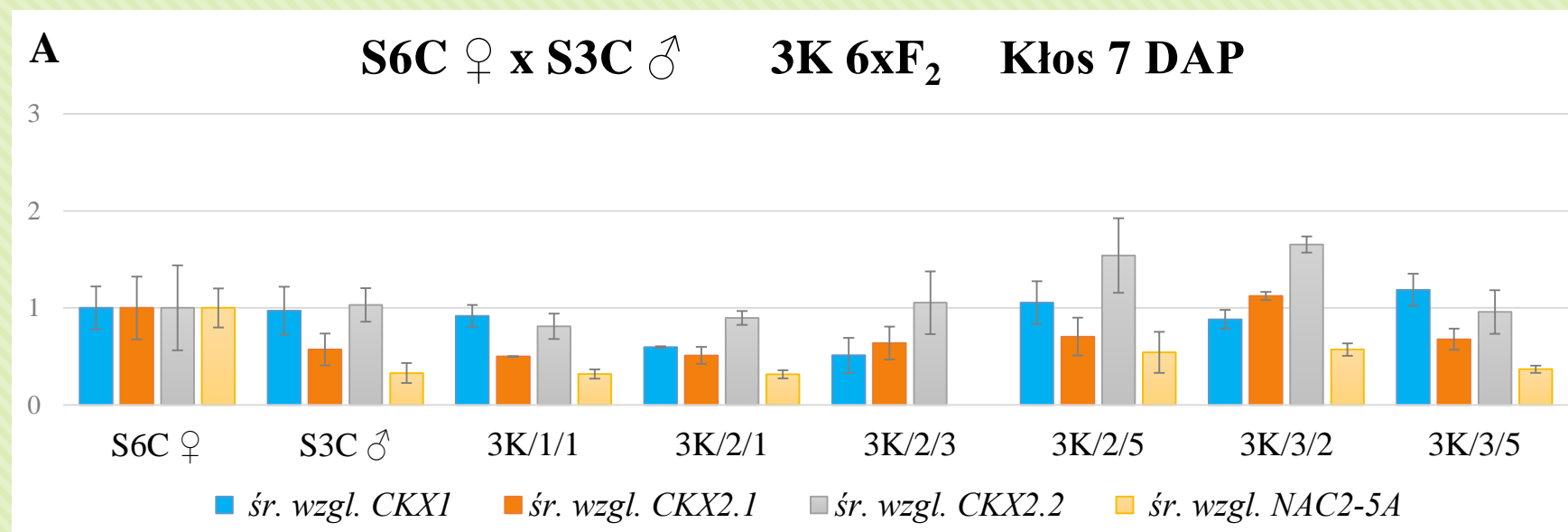
Rys. 2. Schemat metodyki dla tematu badawczego na rok 2019.



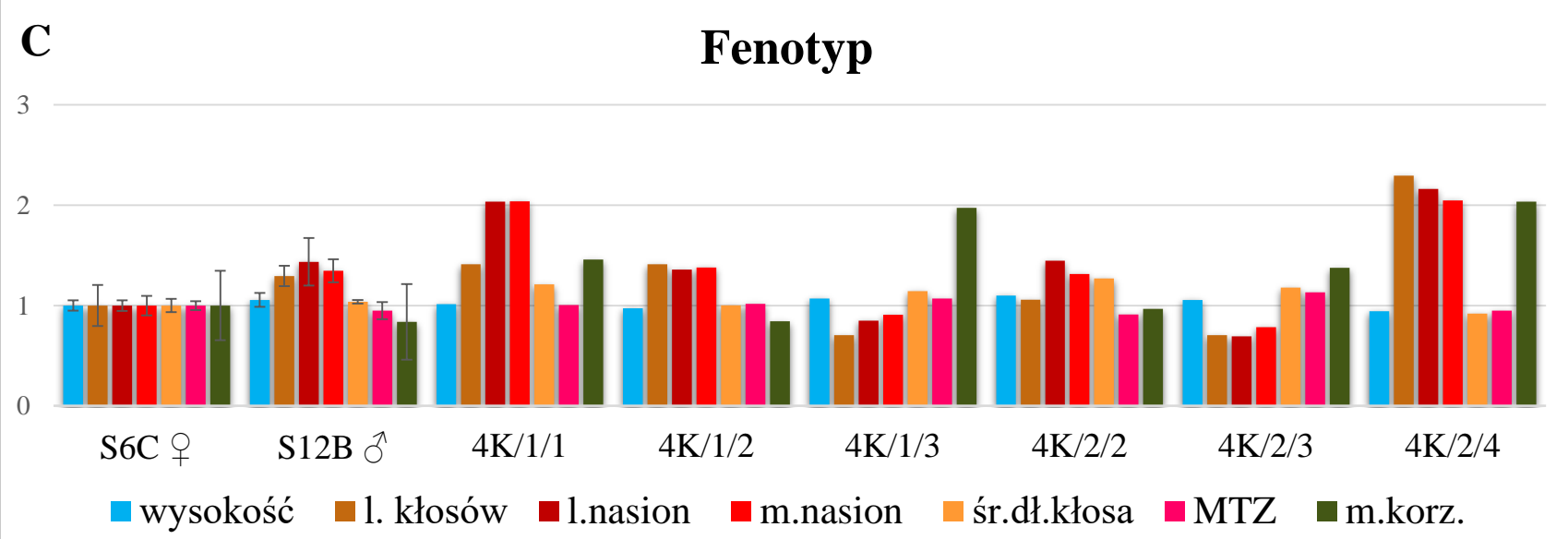
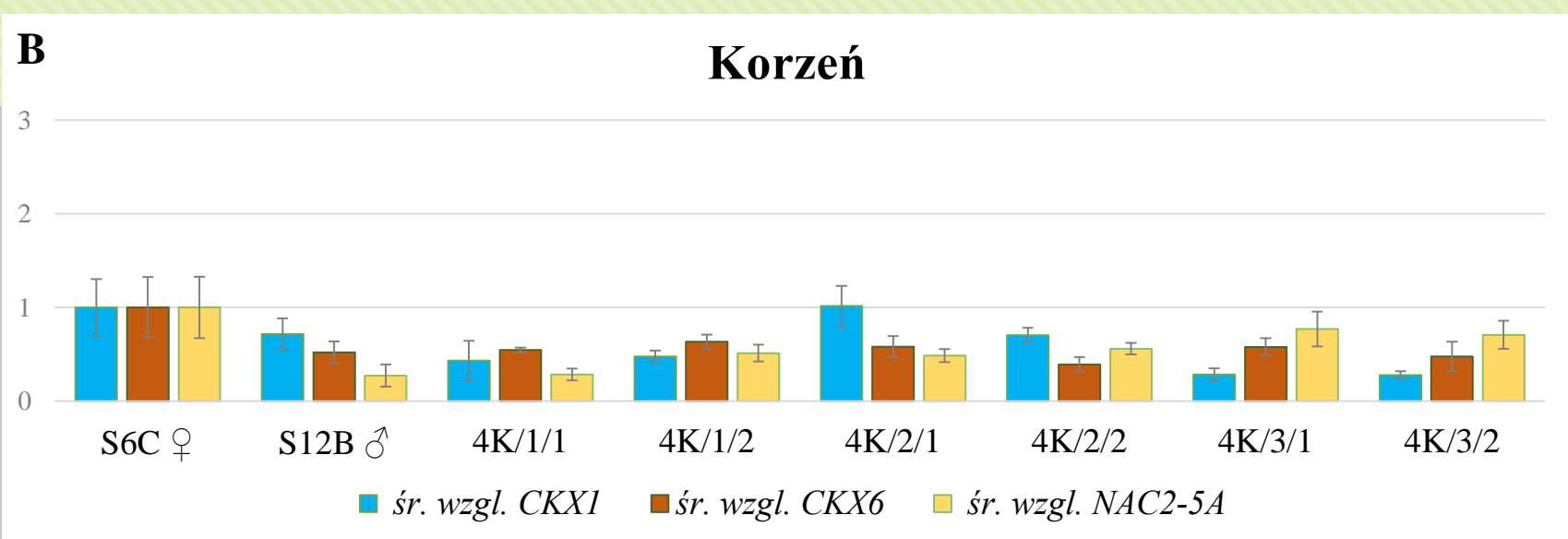
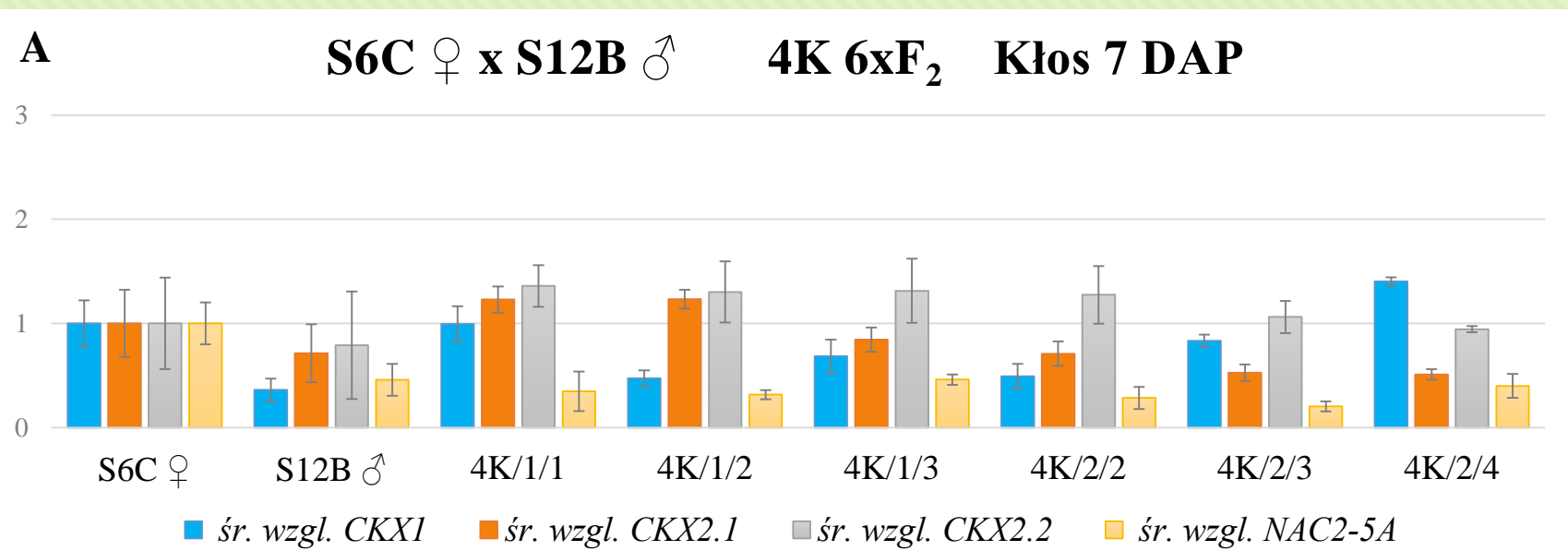
Rys. 3 A, B, C. Ekspresja genów *TaCKX* oraz *TaNAC2-5A* w kłosie (A) i korzeniu (B) oraz wartości cech fenotypowych (C) w liniach rodzicielskich oraz 6 pojedynkach F₂ 1K.



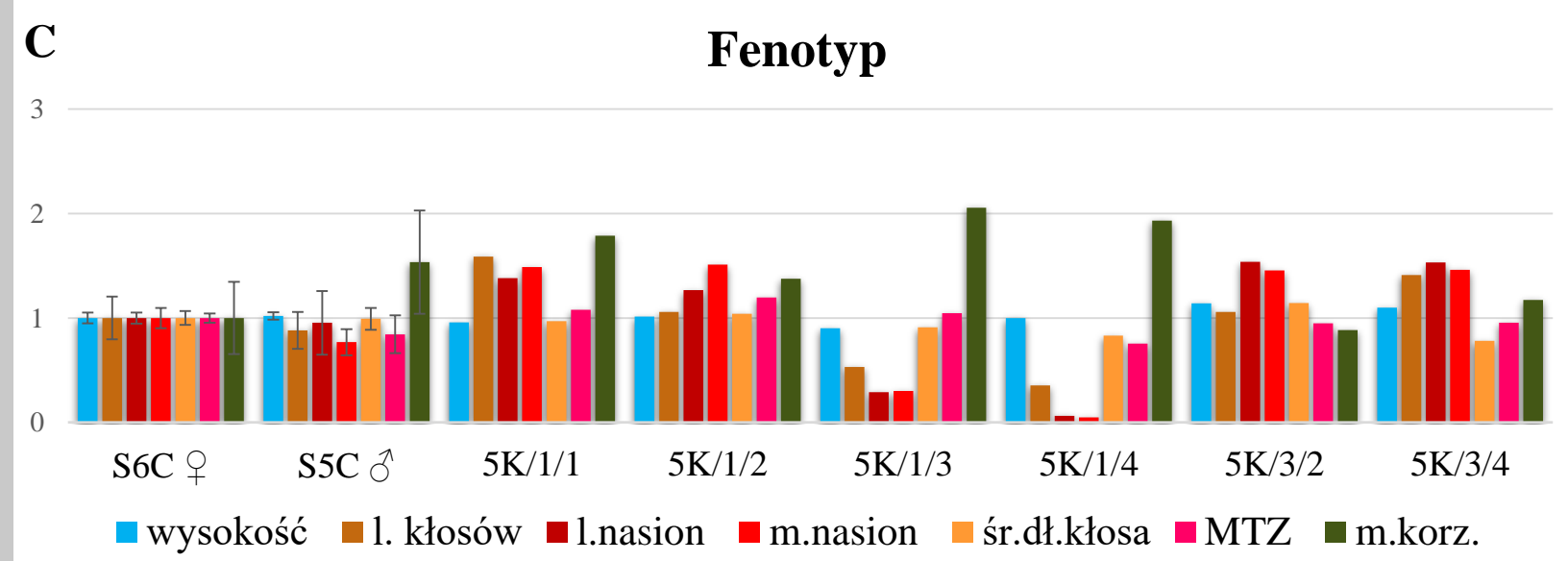
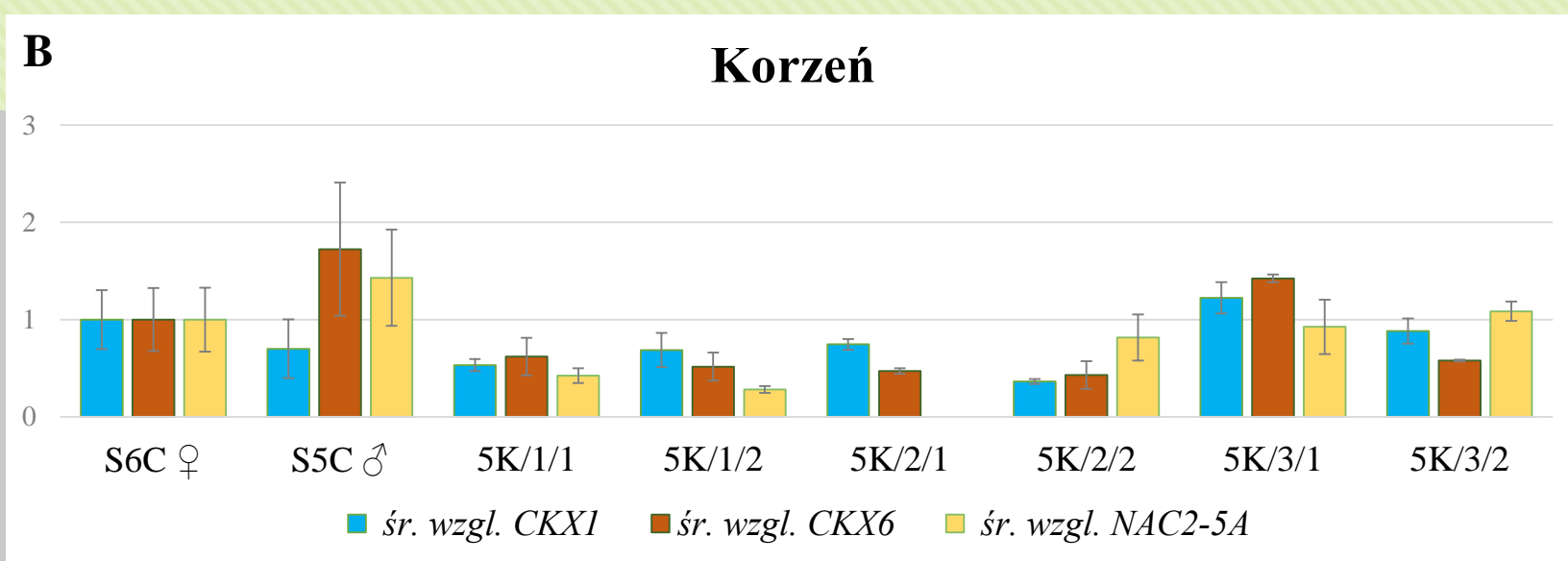
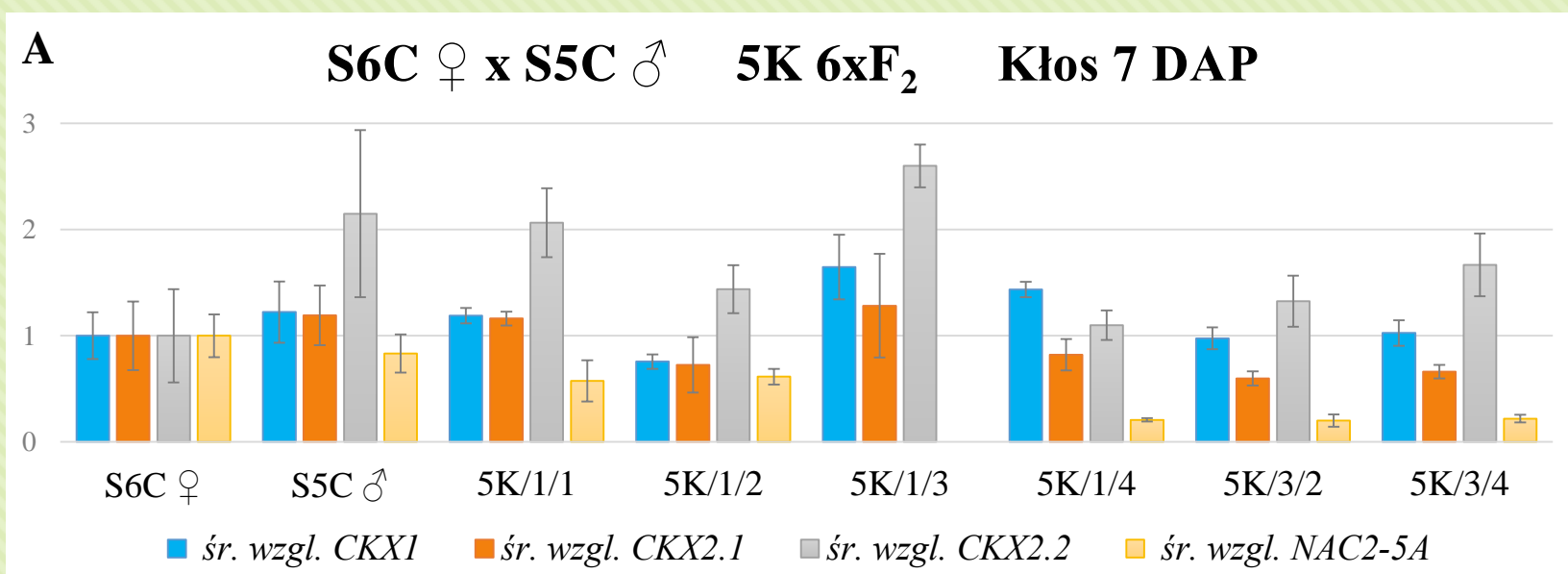
Rys. 4 A, B, C. Ekspresja genów *TaCKX* oraz *TaNAC2-5A* w kłosie (A) i korzeniu (B) oraz wartości cech fenotypowych (C) w liniach rodzicielskich oraz 6 pojedynkach F₂ 2K.



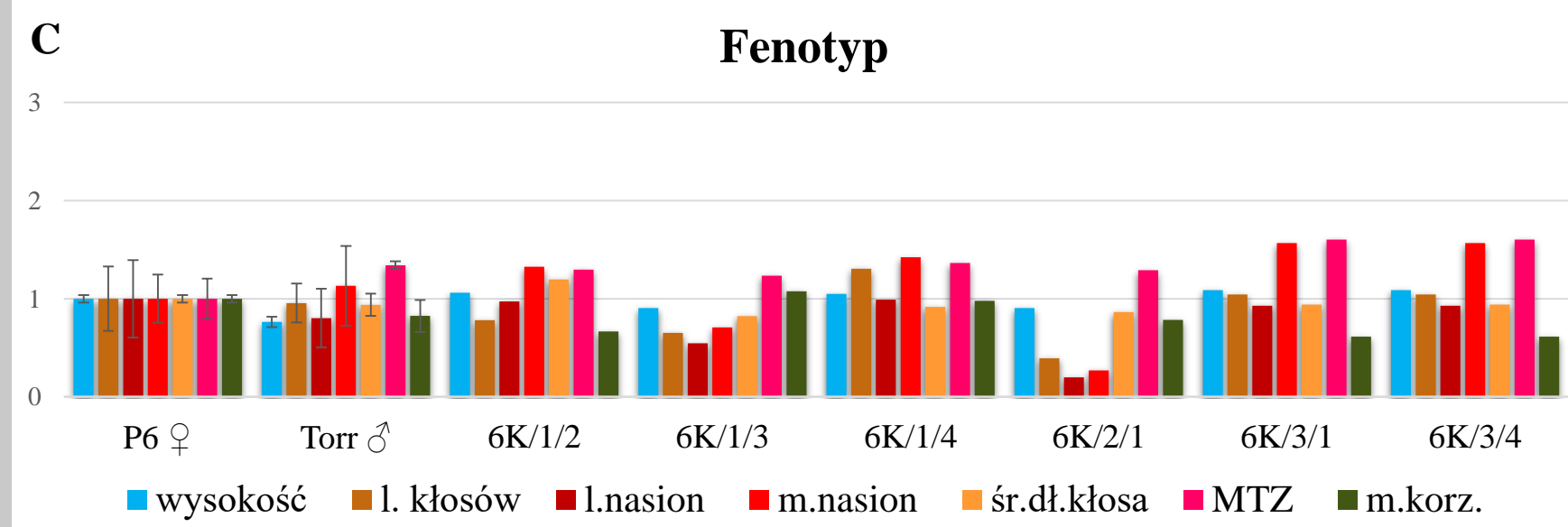
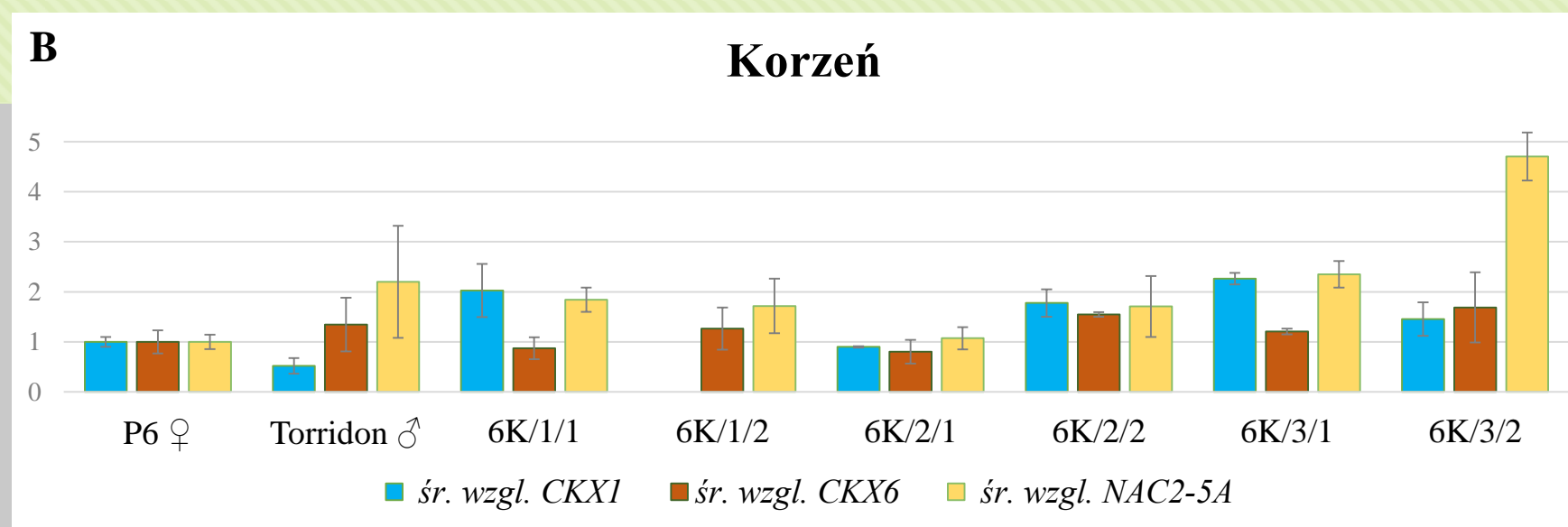
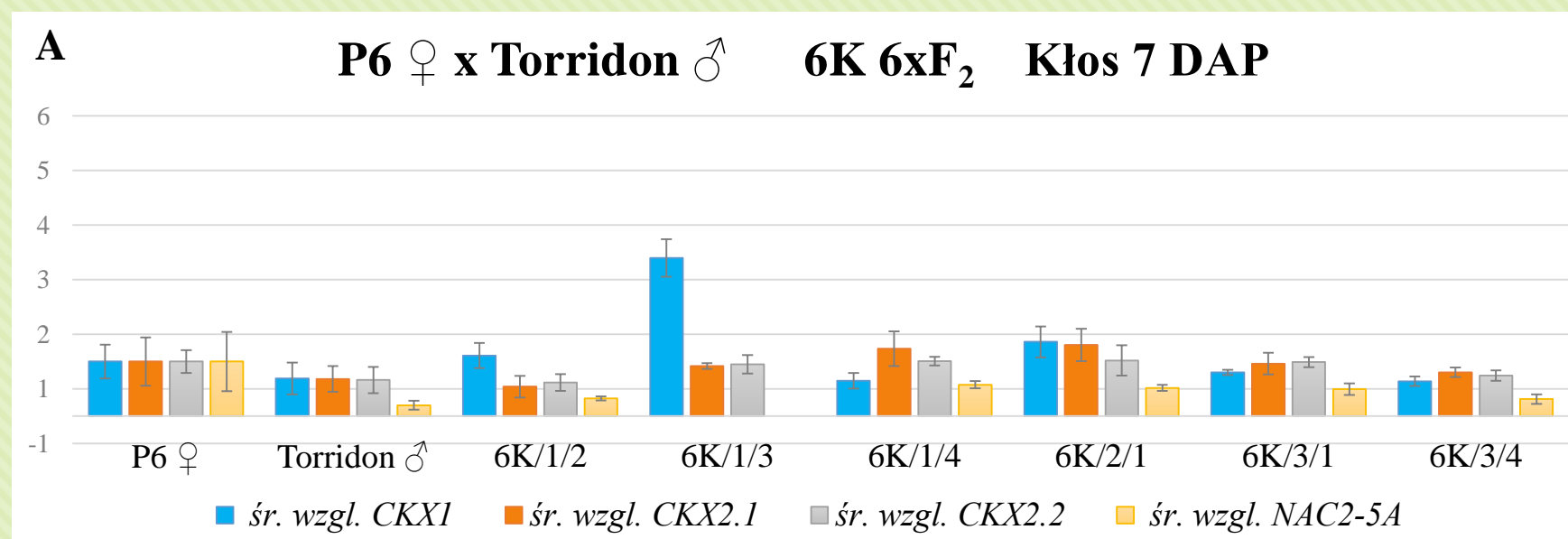
Rys. 5 A, B, C. Ekspresja genów *TaCKX* oraz *TaNAC2-5A* w kłosie (A) i korzeniu (B) oraz wartości cech fenotypowych (C) w liniach rodzicielskich oraz 6 pojedynkach F₂ 3K.



Rys. 6 A, B, C. Ekspresja genów *TaCKX* oraz *TaNAC2-5A* w kłosie (A) i korzeniu (B) oraz wartości cech fenotypowych (C) w liniach rodzicielskich oraz 6 pojedynkach F₂ 4K.



Rys. 7 A, B, C. Ekspresja genów *TaCKX* oraz *TaNAC2-5A* w kłosie (A) i korzeniu (B) oraz wartości cech fenotypowych (C) w liniach rodzicielskich oraz 6 pojedynkach F₂ 5K.



Rys. 8 A, B, C. Ekspresja genów *TaCKX* oraz *TaNAC2-5A* w kłosie (A) i korzeniu (B) oraz wartości cech fenotypowych (C) w liniach rodzicielskich oraz 6 pojedynkach F₂ 6K.

Wnioski

1. Istotna statystycznie, silna korelacja pomiędzy ekspresją genów *TaCKX1*, *TaCKX2.1* a *TaCKX2.2* oraz *TaNAC2-5A*, a także między ekspresją *TaCKX2.1* a *TaCKX2.2* oraz *TaNAC2-5A* w dojrzewających kłosach 7 DAP w fitotronie świadczy o silnej współregulacji tych genów.
2. Pozytywna korelacja pomiędzy ekspresją genu *TaCKX1* w kłosach 7 DAP oraz masą korzenia potwierdza możliwość użycia tej wartości jako miernika do oceny wzrostu korzeni siewek a tym samym prognozowania produktywności roślin.
3. Negatywna korelacja ekspresji genu *TaCKX1* w korzeniu z masą korzenia potwierdza przydatność poziomu ekspresji tego genu jako znacznika masy korzenia a tym samym produktywności.
4. Istotne, dodatnie lub ujemne korelacje genów *TaCKX1*, *TaCKX2.2*, *TaNAC2-5A* z cechami plonotwórczymi świadczą o ich udziale w produktywności.
5. Krzyżowanie linii różniących się poziomem ekspresji (w kłosach 7 DAP i korzeniach siewek) oraz cechami plonotwórczymi dostarczy nam informacji na temat dziedziczenia ekspresji tych genów.